



УДК 57.065
<https://doi.org/10.26516/2073-3372.2022.40.15>

Молекулярно-генетическая идентификация грибов рода *Fomitopsis* из Иркутской области

Е. А. Орлова¹, Д. В. Захарова², Б. Н. Огарков², С. Н. Жданова¹, О. Б. Огарков¹

¹Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека, г. Иркутск, Россия

²Иркутский государственный университет, г. Иркутск, Россия

E-mail: elizaveta.a.orlova@gmail.com

Аннотация. Представлены данные молекулярно-генетической и филогенетической идентификации двух штаммов базидиальных грибов *Fomitopsis pinicola* из Иркутской области, обладающих высоким биотехнологическим потенциалом, как продуценты различных ферментов и биологически активных веществ. Генетическая идентификация биотехнологических штаммов *Fomitopsis* spp. проведена по последовательности варибельных участков ITS1 рибосомального оперона. Обсуждаются вопросы современной таксономии *F. pinicola*, актуальности фармакологических исследований их антиканцерогенных свойств и возможности применения в качестве лекарственных средств и пищевых добавок.

Ключевые слова: базидиомицеты, *Fomitopsis pinicola*, ITS1 рибосомального оперона, секвенирование по Энгелеру, филогенетический анализ.

Благодарности. Исследование выполнено в рамках федеральной бюджетной темы № 121022500179-0 ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ.

Для цитирования: Молекулярно-генетическая идентификация грибов рода *Fomitopsis* из Иркутской области / Е. А. Орлова, Д. В. Захарова, Б. Н. Огарков, С. Н. Жданова, О. Б. Огарков // Известия Иркутского государственного университета. Серия Биология. Экология. 2022. Т. 40. С. 15–23. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2022.40.15>

Research article

Molecular Genetic Identification of *Fomitopsis* spp. Fungi from the Irkutsk Region

E. A. Orlova¹, D. V. Zakharova², B. N. Ogarkov², S. N. Zhdanova¹,
O. B. Ogarkov¹

¹Scientific Centre of the Family Health and Human Reproduction Problems, Irkutsk,
Russian Federation

²Irkutsk State University, Irkutsk, Russian Federation

Abstract. Basidiomycetes of the genus *Fomitopsis* are an extensive group of more than 100 species that have ecosystem significance and high biotechnological potential. One of these species, *Fomitopsis pinicola*, is known as a widespread tinder fungus, a saprophyte that causes brown rot on deciduous and coniferous trees. The modern taxonomy of *F. pinicola*, economic significance, relevance of pharmacological research and the possibility of using them as medicines and food additives are discussed. *F. pinicola* has an important ecosystem function as it promotes the nutrient circulation in the forest. Recent studies show that this is a species complex and that morphological markers alone are not sufficient for precise identification of the species, which emphasises the importance of a molecular genetic approach to the taxonomy of this group. Although *F. pinicola* can be detrimental to forestry by causing rotting of wood, this basidiomycete has long been used by humans. For a long time,

extracts of the conks (fruiting bodies) of *F. pinicola*, like many other tinder fungi, have been used by various cultures in traditional medicine, but modern pharmacological studies of the health-saving properties of the substances produced by *F. pinicola* are still insufficient. However, the relevance of such studies is very high, since ergosterol, fomitopic acids, and fomitoides produced by fungi demonstrate a proapoptotic effect and affect the metabolic pathway of prostaglandins. Promisingly, some compounds isolated from other *Fomitopsis* species have anticancer properties. Despite this, in fungal taxonomy, the correct species identification of biotechnological strains remains a problem. Due to intraspecific morphological variation, modern taxonomy emphasizes genetic markers. Here the data of molecular-genetic and phylogenetic identification of two biotechnological strains of basidiomycetes collected from the affected larch stands of the Irkutsk region are presented. Genetic identification of strains of *Fomitopsis* spp. was carried out using the sequence of variable regions of the ITS1 ribosomal operon. For phylogenetic analysis, ITS1 gene sequences of 25 species of basidiomycetes evolutionarily closest to *Fomitopsis* spp. were used. The studied strains were identified as the *F. pinicola* species with an accuracy of 97.98% and 99.21%, respectively. Further study of the biotechnological properties of the two identified strains of *F. pinicola* seems to be very relevant.

Keywords: basidiomycetes, *Fomitopsis pinicola*, ITS1 16SrRNA, Sanger sequencing, phylogenetic analysis.

For citation: Orlova E.A., Zakharova D.V., Ogarkov B.N., Zhdanova S.N., Ogarkov O.B. Molecular Genetic Identification of *Fomitopsis* spp. Fungi from the Irkutsk Region. *The Bulletin of Irkutsk State University. Series Biology. Ecology*, 2022, vol. 40, pp. 15-23. <https://doi.org/10.26516/2073-3372.2022.40.15> (in Russian)

Введение

Лекарственные грибы рода *Fomitopsis* имеют давнюю историю использования из-за ценных биологических свойств, определяемых уникальным составом их биоактивных соединений (тритерпеноиды, полисахариды, органические кислоты, кумарины и фенольные соединения) [European medicinal polypores ... , 2014; Fungal strain matters ... , 2015]. В НИИ биологии Иркутского государственного университета собрана и морфологически охарактеризована уникальная коллекция базидиомицетов, частью которой являются представители рода *Fomitopsis*. Получены и поддерживаются биотехнологические вегетативные грибные культуры, при массовом воспроизводстве которых становится доступным использование их как продуцентов различных ферментов и биологически активных веществ [Огарков, 2011].

Виды р. *Fomitopsis*, как и многих других родов грибов, преимущественно распознаются фенотипически, но для подтверждения их идентификации требуются методы молекулярной биологии. Секвенирование внутренней транскрибируемой спейсерной области (internal transcribed spacer region – ITS1), находящейся между рибосомальными генами, является подходящим методом, который обычно используется для правильной идентификации многочисленных видов грибов, включая род *Fomitopsis* [Edgar, 2018; Taxonomy and phylogeny ... , 2021]. Фенотипически виды этого рода схожи [Sequence-based classification ... , 2016], и поэтому важно подтвердить видовую принадлежность коллекционных образцов, которые в последующем могут быть использованы в биотехнологическом производстве. Целью настоящей работы явилась генетическая идентификация биотехнологических штаммов *Fomitopsis* spp. по последовательности вариабельных участков ITS1 рибосомального оперона.

Материалы и методы

В исследовании использованы два биотехнологических штамма (F1, F2) из коллекции образцов лаборатории экспериментальной биотехнологии НИИ биологии при Иркутском государственном университете. Чистые вегетативные культуры выделены из плодовых тел базидиомицетов рода *Fomitopsis*, собранных с поражённых листовенничных древостоев Иркутской области. Тотальную геномную ДНК экстрагировали из образцов культивированного мицелия с использованием DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Германия) согласно протоколу производителя. ITS1-регион рибосомального оперона амплифицировали с помощью праймеров ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') [Amplification and direct ... , 1990] и LR3 (5'-CCGTGTTTCAAGACGGG-3') [Vilgalys, Hester, 1990] с последующим секвенированием ампликона по Сэнгеру в ЦКП «Центр разработки прогрессивных персонализированных технологий здоровья» ФГБНУ НЦ ПЗСРЧ. Нуклеотидные последовательности, полученные с прямого и обратного праймеров, выравнивали между собой для получения консенсусной последовательности в программе MEGA v. 7. Поиск гомологичных последовательностей проводили в NCBI GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov) с помощью программы BLASTN. Филогенетический анализ, проведённый методом Maximum Likelihood, также выполнен с использованием пакета MEGA на основе последовательностей генов ITS1 25-и видов базидиомицетов, эволюционно наиболее близких к *Fomitopsis* spp. [Kim, Yoon, Jung, 2005] (табл.).

Таблица

Виды базидиомицетов, использованные для филогенетического анализа

Название вида	GenBank-идентификация
<i>Fomitopsis cajanderi</i> strain BCRC 35447	EU232200
<i>F. cupreorosea</i> strain CBS 236.87	DQ491400
<i>F. dochmia</i> strain JZ36	MG719293
<i>F. feei</i> strain JZ77	MG437308
<i>F. lilacinogilva</i> voucher Schigel 5193	KR605773
<i>F. officinalis</i> strain Stamets F14	EU854446
<i>F. palustris</i>	EU024965
<i>F. pinicola</i>	EF530947
<i>F. rosea</i> strain CIRM-BRFM 1062	GU731553
<i>F. spraguei</i> strain CBS 365.34	MH855568
<i>Antrodia albida</i>	EU232189
<i>A. juniperina</i>	AY966454
<i>A. heteromorpha</i>	LC412117
<i>A. variiformis</i>	AY966453
<i>Cerrena consors</i>	HQ901178
<i>Datronia scutellata</i>	MK809440
<i>Ganoderma applanatum</i>	KY364258
<i>Perenniporia ochroleuca</i>	HQ654105
<i>P. subacida</i>	AF218403
<i>Piptoporus betulinus</i>	AY966448
<i>P. portentosus</i>	AY515353
<i>P. soloniensis</i>	KR605805
<i>Postia placenta</i>	AH011569
<i>Trametes conchifer</i>	MK234202
<i>T. pubescens</i>	MT232656

Результаты и обсуждение

При секвенировании переменных участков ITS1 рибосомального оперона двух биотехнологических штаммов *Fomitopsis* spp. были получены нуклеотидные последовательности, сходные между собой на 97 %. Скрининг по базе данных GenBank показал, что гомология исследуемых штаммов F1 (Strain1) и F2 (Strain2) с видом *F. pinicola* составляет соответственно 97,98 и 99,21 %. Аналогичные результаты получены при построении филогенетического дерева, на котором проанализированные нуклеотидные последовательности наиболее близко кластеризовались именно с видовым комплексом *F. pinicola* (рис.).

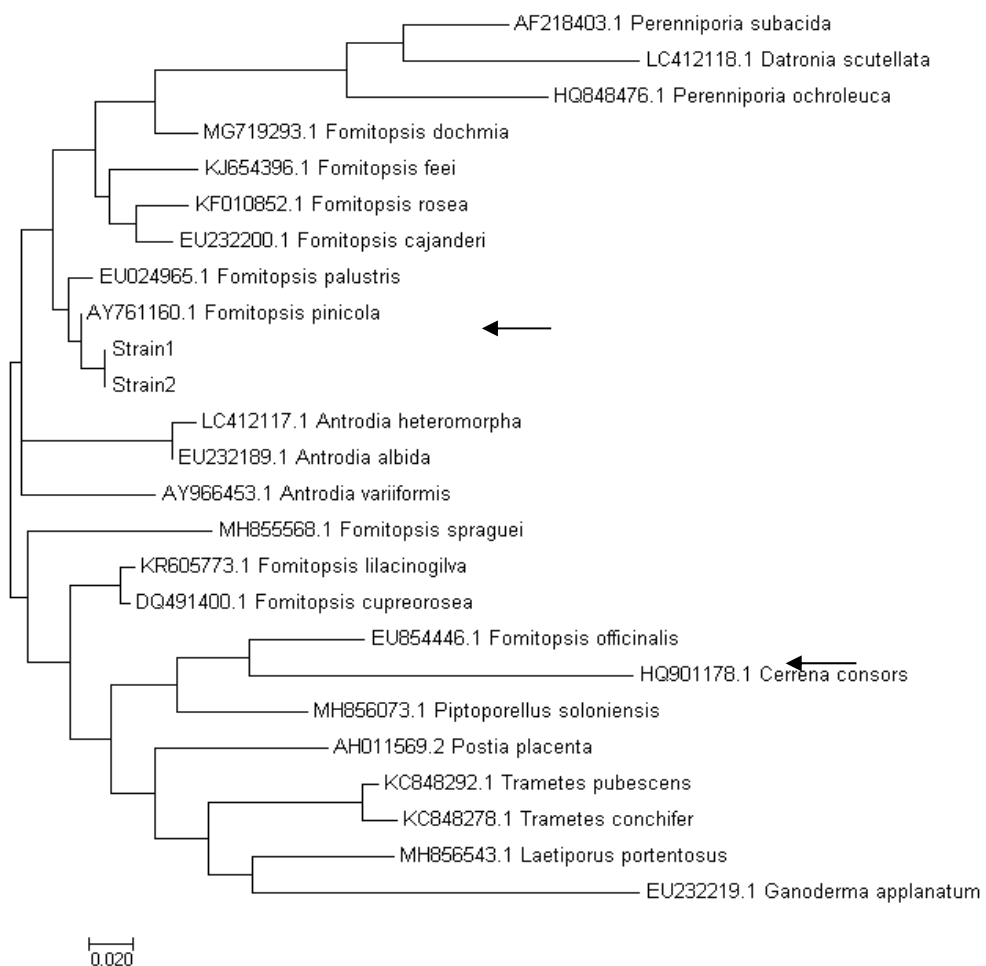


Рис. Филогенетическое дерево, построенное на основе ITS-последовательностей с использованием алгоритма максимального правдоподобия (maximum likelihood) по модели General Time Reversible. Изучаемые штаммы обозначены на рисунке соответственно Strain1 и Strain2

Род *Fomitopsis* в настоящее время представлен 109 видами [MYCOBANK Database]. Вид *F. pinicola* (трутовик окаймлённый), наряду с *F. nigra* и *F. officinalis*, является самым изученным. Первоначально *F. pinicola* был назван О. Шварцем в 1810 г. как *Boletus pinicola*, а затем П. Карстен в 1881 г. перевёл его в род *Fomitopsis* [Karsten, 1881]. Эта классификация сохранялась до того, как было произведено секвенирование четырёх видов из разных континентов для чёткой видовой идентификации. М. Биндер с соавторами выполнили секвенирование всего генома и классифицировали *F. pinicola* в кладе *Antrodia* [Phylogenetic and phylogenomic ... , 2013]. В 2016 г. Дж.-Е. Хейт с соавторами описали наличие целого видового комплекса *F. pinicola* [Phylogeny of *Fomitopsis* ... , 2016]. На основе образцов, собранных в Северной Америке, Европе и Азии и фенотипически идентифицированных как *F. pinicola*, были идентифицированы четыре различных вида, при этом *F. pinicola* обнаружен только в Европе и Азии. Остальные три вида происходят из разных регионов Северной Америки [Phylogeny of *Fomitopsis* ... , 2016; *Fomitopsis mounceae* ... , 2019]. Недавно на территории Китая были описаны ещё шесть видов, включённых в комплекс *F. pinicola* [Taxonomy and Phylogeny ... , 2021].

Грибы этого вида являются сапробными, а также могут быть паразитическими, вызывая корневую гниль живых деревьев и коричневую кубовидную гниль мёртвых деревьев [Огарков, 2011]. Разлагающие грибы, такие как *F. pinicola*, часто считаются симбиотическими, и это может быть связано с присутствием грибов и азотфиксирующих бактерий в одних и тех же местах на хвойных и лиственных видах деревьев [Balandreau, 1986]. Кроме того, они способствуют циркуляции питательных веществ в лесу за счёт гниения стволов мёртвых деревьев, хотя остатки бурой гнили могут оставаться в почве в течение длительного времени, прежде чем разрушиться [Phylogenetic and phylogenomic ... , 2013]. Однако *F. pinicola* и другие виды бурой гнили также могут вносить значительный вклад в потери лесного хозяйства, особенно на участках, где кора деревьев была повреждена, например, при удалении ветвей [Огарков, 2011].

F. pinicola широко применяется в лечебных целях, особенно в традиционной китайской и корейской народной медицине как противовоспалительное средство и для укрепления общего самочувствия [Fungal strain matters ... , 2015]. Однако использование *F. pinicola* в народной медицине Центральной Европы и России в значительной степени забыто [European medicinal polypores ... , 2014]. Считается, что, как и из многих трутовиков лиственных пород, из плодовых тел этого гриба традиционно готовили лекарственные водные и спиртовые настои [Fungal strain matters ... , 2015]. Хотя *F. pinicola* не является одним из самых почитаемых видов грибов-трутовиков, он веками использовался в качестве средства для лечения головных болей, тошноты и заболеваний печени [European medicinal polypores ... , 2014], а также в пищевых добавках [Bishop, 2020].

Несмотря на то что на протяжении веков грибы-трутовики использовались различными культурами для укрепления здоровья, фармакологических

исследований на *F. pinicola* проведено очень мало [Lindequist, Niedermeyer, Jülich, 2005; Bishop, 2020]. Были протестированы различные методы экстракции, целые экстракты, фракции и соединения, выделенные из гриба. Я. Ван с соавторами идентифицировали эргостерол в хлороформном экстракте *F. pinicola* и наблюдали его противораковые свойства, такие как проапоптотический эффект и ингибирование миграции раковых клеток [Investigating migration inhibition ... , 2014]. Кроме того, в исследовании, опубликованном С. Йошикавой с соавторами, фомитопиновые кислоты и фомитозиды ингибировали активность циклооксигеназы 1 и 2 [Lanostane Triterpenoids ... , 2005]. Хотя многие из соединений, обнаруженных в *F. pinicola*, не оценены изолированно, обнаружено, что некоторые выделенные из других видов *Fomitopsis* соединения обладают противораковыми свойствами, например галловая кислота [Giftson, Jayanthi, Nalini, 2010].

Заключение

Грибы рода *Fomitopsis* представляют собой обширную группу базидиомицетов, которые обладают экосистемным и хозяйственным значением и на протяжении долгого времени используются в традиционной медицине азиатских культур. Распространённый вид ксилотрофных грибов *F. pinicola* имеет обширный биотехнологический потенциал, однако необходимы дальнейшие исследования для подробной характеристики его биологически активных компонентов, которые, как сообщалось, демонстрируют противовоспалительное, противомикробное, противогрибковое и противораковое действие.

В настоящем исследовании на основе данных о нуклеотидной последовательности вариабельного участка ITS1 рибосомального оперона были идентифицированы до вида два биотехнологических штамма из коллекционных образцов трутовика окаймлённого, которые принадлежат видовому комплексу *F. pinicola*. Недавние исследования показывают, что *F. pinicola* является видовым комплексом и морфологических и физиологических маркеров недостаточно для точной видовой идентификации, что подчёркивает важность молекулярно-генетического подхода к таксономии этой группы.

Список литературы

- Огарков Б. Н. Мусота – основа многих биотехнологий. Иркутск: Время странствий, 2011. 207 с.
- Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics in PCR / T. J. White, T. D. Bruns, S. Lee, J. Taylor // PCR Protocols. A Guide to Methods and Applications. Cambridge, MA: Academic Press, 1990. P. 315–322. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>
- Balandreau J. Ecological factors and adaptive processes in N₂-fixing bacterial populations of the plant environment // Plant Soil. 1986. Vol. 90. P. 73–92. <https://doi.org/10.1007/BF02277388>
- Bishop K. S. Characterisation of extracts and anti-cancer activities of *Fomitopsis pinicola* // Nutrients. 2020. Vol. 12, N 3. P. 609. <https://doi.org/10.3390/nu12030609>
- Edgar R. C. Accuracy of taxonomy prediction for 16S rRNA and fungal ITS sequences // Peer J. 2018. Vol. 6. e4652. <https://doi.org/10.7717/peerj.4652>
- European medicinal polypores – a modern view on traditional uses / U. Grienke, M. Zöll, U. Peintner, J. M. Rollinger // J. Ethnopharmacol. 2014. Vol. 154, N 3. P. 564–583. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2014.04.030>

Fomitopsis mounceae and *F. schrenkii* – two new species from North America in the *F. pinicola* complex / E. J. Haight, K. K. Nakasone, A. G. Laursen, A. S. Redhead, L. D. Taylor, A. J. Glaeser // *Mycologia*. 2019. Vol. 111. P. 339–357. <https://doi.org/10.1080/00275514.2018.1564449>

Fungal strain matters: colony growth and bioactivity of the European medicinal polypores *Fomes fomentarius*, *Fomitopsis pinicola* and *Piptoporus betulinus* / P. Dresch, K. Rosam, U. Grienneke, J. M. Rollinger, U. Peintner // *AMB Express*. 2015. Vol. 5, N 4. <https://doi.org/10.1186/s13568-014-0093-0>

Giftson J. S., Jayanthi S., Nalini N. Chemopreventive efficacy of gallic acid, an antioxidant and anticarcinogenic polyphenol, against 1,2-dimethyl hydrazine induced rat colon carcinogenesis // *Investig. New Drugs*. 2010. Vol. 28. P. 251–259. <https://doi.org/10.1007/s10637-009-9241-9>

Investigating migration inhibition and apoptotic effects of *Fomitopsis pinicola* chloroform extract on human colorectal cancer SW-480 cells / Y. Wang, X. Cheng, P. Wang, L. Wang, J. Fan, X. Wang, Q. Liu // *PLoS One*. 2014. Vol. 9. 7:e101303. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101303>

Karsten P. *Symbolae Ad Mycologiam Fennicam. VIII* // *Meddelanden af Societatis pro Fauna et Flora Fennica*. 1881. Vol. 6. P. 7–12. (in Latin). Cited in Binder et al. URL: <https://www.biodiversitylibrary.org/item/38778#page/7/mode/1up>

Kim K. M., Yoon Y. G., Jung H. S. Evaluation of the monophyly of *Fomitopsis* using parsimony and MCMC methods // *Mycologia*. 2005. Vol. 97. P. 812–822. <https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832773>

Lanostane triterpenoids and triterpene glycosides from the fruit body of *Fomitopsis pinicola* and their inhibitory activity against COX-1 and COX-2 / K. Yoshikawa, M. Inoue, Y. Matsumoto, C. Sakakibara, H. Miyataka, H. Matsumoto, S. J. Arihara // *Nat. Prod*. 2005. Vol. 68, N 1. P. 69–73. <https://doi.org/10.1021/np040130b>

Lindequist U., Niedermeyer T. H., Jülich W. D. The pharmacological potential of mushrooms // *Evid. Based Complementary Altern. Med*. 2005. Vol. 2, N 3. P. 285–299. <https://doi.org/10.1093/ecam/neh107>

MYCOBANK Database. Fungal Databases, Nomenclature & Species Banks. URL: <https://www.mycobank.org/>

Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales / M. Binder, A. Justo, R. Riley, A. Salamov, F. Lopez-Giraldez, E. Sjökvist, K. H. Larsson // *Mycologia*. 2013. Vol. 105. P. 1350–1373. <https://doi.org/10.3852/13-003>

Phylogeny of *Fomitopsis pinicola*: a species complex / J. E. Haight, G. A. Laursen, J. A. Glaeser, D. L. Taylor // *Mycologia*. 2016. Vol. 108. P. 925–938. <https://doi.org/10.3852/14-225R1>

Sequence-based classification and identification of Fungi / D. Hibbett, K. Abarenkov, U. Kõljalg, M. Öpik, B. Chai, J. Cole, J. R. Herr // *Mycologia*. 2016. Vol. 108. P. 1049–1068.

Taxonomy and phylogeny of the *Fomitopsis pinicola* complex with descriptions of six new species from East Asia / S. Liu, M. L. Han, T. M. Xu, Y. Wang, D. M. Wu, B. K. Cui // *Front. Microbiol*. 2021. Vol. 12. 644979. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.644979>

Vilgalys R., Hester M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species // *J. Bacteriol*. 1990. Vol. 172, N 8. P. 4238–4246. <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>

References

Ogarkov B.N. *Mycota – osnova mnogih biotekhnologij* [Mycota is the basis of many biotechnologies]. Irkutsk, Vremya stranstvii Publ., 2011, 207 p. (in Russian)

White T.J., Bruns T.D., Lee S., Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics in PCR. *PCR protocols, a guide to methods and applications*. Cambridge, MA: Academic Press, 1990, pp. 315–322. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>

Balandreau J. Ecological factors and adaptive processes in N₂-fixing bacterial populations of the plant environment. *Plant Soil*, 1986, vol. 90, p. 73–92. <https://doi.org/10.1007/BF02277388>

Bishop K.S. Characterisation of extracts and anti-cancer activities of *Fomitopsis pinicola*. *Nutrients*, 2020, vol. 12, no. 3:609. <https://doi.org/10.3390/nu12030609>

Edgar R.C. Accuracy of taxonomy prediction for 16S rRNA and fungal ITS sequences. *PeerJ*, 2018, 6:e4652. <https://doi.org/10.7717/peerj.4652>

Grienke U., Zöll M., Peintner U., Rollinger J.M. European medicinal polypores – a modern view on traditional uses. *J. Ethnopharmacol.*, 2014, vol. 154, no. 3, pp. 564-583. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2014.04.030>

Haight E.J., Nakasone K.K., Laursen A.G., Redhead A.S., Taylor L.D., Glaeser A.J. Fomitopsis mounceae and F. schrenkii – two new species from North America in the F. pinicola complex. *Mycologia*, 2019, vol. 111, pp. 339-357. <https://doi.org/10.1080/00275514.2018.1564449>

Dresch P., Rosam K., Grienke U., Rollinger J.M., Peintner U. Fungal strain matters: colony growth and bioactivity of the European medicinal polypores Fomes fomentarius, Fomitopsis pinicola and Piptoporus betulinus. *AMB Express*, 2015, vol. 5, no. 4. <https://doi.org/10.1186/s13568-014-0093-0>

Giftson J.S., Jayanthi S., Nalini N. Chemopreventive efficacy of gallic acid, an antioxidant and anticarcinogenic polyphenol, against 1,2-dimethyl hydrazine induced rat colon carcinogenesis. *Investig. New Drugs*, 2010, vol. 28, pp. 251-259. <https://doi.org/10.1007/s10637-009-9241-9>

Wang Y., Cheng X., Wang P., Wang L., Fan J., Wang X., Liu Q. Investigating migration inhibition and apoptotic effects of Fomitopsis pinicola chloroform extract on human colorectal cancer SW-480 cells. *PLoS One*, 2014, vol. 9, no. 7:e101303. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101303>

Karsten P. Symbolae Ad Mycologiam Fennicam. VIII. *Meddelanden af Societatis pro Fauna et Flora Fennica*, 1881, vol. 6, pp. 7-12. (in Latin). Cited in Binder et al. Available at: <https://www.biodiversitylibrary.org/item/38778#page/7/mode/1up>

Kim K.M., Yoon Y.G., Jung H.S. Evaluation of the monophyly of Fomitopsis using parsimony and MCMC methods. *Mycologia*, 2005, vol. 97, pp. 812-822. <https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832773>

Yoshikawa K., Inoue M., Matsumoto Y., Sakakibara C., Miyataka H., Matsumoto H., Arihara S. J. Lanostane triterpenoids and triterpene glycosides from the fruit body of Fomitopsis pinicola and their inhibitory activity against COX-1 and COX-2. *Nat. Prod.*, 2005, vol. 68, no. 1, pp. 69-73. <https://doi.org/10.1021/np040130b>

Lindequist U., Niedermeyer T.H., Jülich W.D. The pharmacological potential of mushrooms. *Evid. Based Complementary Altern. Med.*, 2005, vol. 2, no. 3, pp. 285-299. <https://doi.org/10.1093/ecam/neh107>

MYCOBANK Database. *Fungal Databases, Nomenclature & Species Banks*. Available at: <https://www.mycobank.org/>

Binder M., Justo A., Riley R., Salamov A., Lopez-Giraldez F., Sjökvist E., Larsson K.H. Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. *Mycologia*, 2013, vol. 105, pp. 1350-1373. <https://doi.org/10.3852/13-003>

Haight J.E., Laursen G.A., Glaeser J.A., Taylor D.L. Phylogeny of Fomitopsis pinicola: a species complex. *Mycologia*, 2016, vol. 108, pp. 925-938. <https://doi.org/10.3852/14-225R1>

Hibbett D., Abarenkov K., Kõljalg U., Öpik M., Chai B., Cole J., Herr J.R. Sequence-based classification and identification of Fungi. *Mycologia*, 2016, vol. 108, pp. 1049-1068.

Liu S., Han M.L., Xu T.M., Wang Y., Wu D.M., Cui B.K. Taxonomy and phylogeny of the Fomitopsis pinicola complex with descriptions of six new species from East Asia. *Front. Microbiol.*, 2021, vol. 12, 644979. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.644979>

Vilgalys R., Hester M. Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several Cryptococcus species. *J. Bacteriol.*, 1990, vol. 172, no. 8, pp. 4238-4246. <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>

Сведения об авторах

Орлова Елизавета Андреевна

младший научный сотрудник

Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека

Россия, 664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
e-mail: elizaveta.a.orlova@gmail.com

Information about the authors

Orlova Elizaveta Andreevna

Junior Research Scientist

Scientific Centre of Family Health and Human Reproduction Problems

16, Timiryazev st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation

e-mail: elizaveta.a.orlova@gmail.com

Захарова Дарья Вячеславовна*магистрант**Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: darya.zaxarova.98@inbox.ru***Zakharova Daria Vyacheslavovna***Undergraduate**Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: darya.zaxarova.98@inbox.ru***Огарков Борис Никитович***доктор биологических наук, профессор,
заведующий лабораторией**Иркутский государственный университет
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 1
e-mail: bornik@bk.ru***Ogarkov Boris Nikitovich***Doctor of Sciences (Biology), Professor,
Head of Laboratory**Irkutsk State University
1, K. Marx st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: bornik@bk.ru***Жданова Светлана Николаевна***доктор медицинских наук, ведущий научный
сотрудник**Научный центр проблем здоровья семьи и
репродукции человека
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
e-mail: svetnii73@gmail.com***Zhdanova Svetlana Nikolaevna***Doctor of Sciences (Medicine),
Leading Research Scientist**Scientific Centre of Family Health
and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: svetnii73@gmail.com***Огарков Олег Борисович***доктор медицинских наук, заведующий
отделом**Научный центр проблем здоровья семьи и
репродукции человека
Россия, 664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
e-mail: obogarkov@yandex.ru***Ogarkov Oleg Borisovich***Doctor of Sciences (Medicine), Head
of Department**Scientific Centre of Family Health
and Human Reproduction Problems
16, Timiryazev st., Irkutsk, 664003,
Russian Federation
e-mail: obogarkov@yandex.ru*